

Projet Brainnetome

INTRODUCTION

Lorsque que nous recherchons à faire une analyse par régions d'intérêt (ROIs) de données SEEG, l'une des manières d'opérer est de normaliser au préalable les coordonnées SEEG de chaque patient dans un espace standard commun (un atlas cérébral standard comme l'atlas MNI (Montreal Neurological Institute) avant d'effectuer une analyse par ROI à proprement parler.

Dans le but d'améliorer qualitativement ce genre d'analyses, nous proposons

- La sélection d'un atlas de très bonne résolution spatiale (*Brainnetome*)
- La suppression de l'étape de normalisation pour travailler dans le repère natif du sujet et gagner en précision spatiale

La première difficulté est d'obtenir une parcellisation du cerveau de chaque patient qui soit la plus fidèle à l'atlas *Brainnetome*.

La seconde difficulté est de trouver un algorithme qui associe chaque contact SEEG à une région donnée de l'atlas.

Cette première partie a été réalisée en collaboration avec Samuel Medina (INS).

Dans un second temps, des développements autour de la visualisation (en langage python) des électrodes intracrâniennes seront envisagés. L'idée est de pouvoir représenter dans l'espace natif du sujet, les électrodes soit à l'intérieur d'un volume cérébral, soit sous la forme d'une surface corticale.

Atlas Brainnetome

Nous avons utilisé l'atlas Brainnetome (<http://atlas.brainnetome.org/download.html>) dans sa version disponible sous FreeSurfer et avec les caractéristiques suivantes : 246 régions d'intérêt (ROIs ou parcelles) et résolution spatiale de 1mm³. Les données anatomiques (IRM T1) et les informations d'implantation des électrodes proviennent de patients épileptiques avant opération chirurgicale (projet ILCB Jabber)

Au préalable, une reconstruction des images surfaciques et une segmentation sous-corticale des images anatomiques (en l'occurrence, les IRM de type T1) ont été réalisées grâce à la commande « recon-all » FreeSurfer (<https://surfer.nmr.mgh.harvard.edu/>). De plus, cette commande permet également une parcellisation (ou un découpage en ROIs) du cerveau humain selon 2 atlas de référence : l'atlas Desikan-Killiany et l'atlas Destrieux. La parcellisation individualisée selon l'atlas Brainnetome (une parcellisation dans l'espace natif du sujet) n'est pas proposée par défaut dans FreeSurfer: elle nécessite des commandes supplémentaires (pour plus de détails de la méthode, voir <https://blricrex.hypotheses.org/le-crex/sharedprojects/brainnetome>).

Un exemple de visualisation de l'atlas Brainnetome sur la surface corticale d'un patient est présenté dans la Figure 1. En dehors de FreeSurfer, tous les codes fait maison ont été réalisées en langage python.

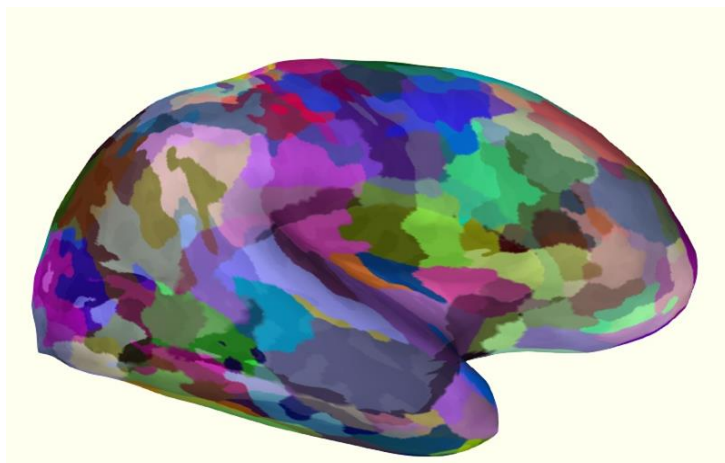


Figure 1. Vue latérale de l'Atlas Brainnetome (246 ROIs) représenté sur la surface corticale de l'hémisphère droit d'un patient (JA_P02)

Script : Jabber-py/Jabber_01_PlotAtlas.py

Comment associer un contact SEEG à une ROI donnée de l'atlas ?

Les coordonnées des contacts de chaque électrode sont dans le système de coordonnées de FreeSurfer, à savoir le système **RAS** (Right, Anterior, Superior). Le volume IRM (« T1.mgz » de FreeSurfer) comprend 256 coupes dans les 3 dimensions (Axis X: left>right, Axis Y: posterior>anterior; Axis Z: inferior>superior), l'origine étant le centre du volume ([128 , 128, 128] ; cf. Figure 2). L'unité d'une image IRM est le voxel d'une résolution de 1 mm³. Pour passer d'un voxel aux coordonnées RAS, il est nécessaire d'appliquer une matrice de transformation. Cette matrice est disponible dans les métadonnées de l'image T1.mgz.

```
# affine transfo in the freesurfer context  
t1 = nib.load(t1_fname)  
Torig = t1.header.get_vox2ras_tkr()
```

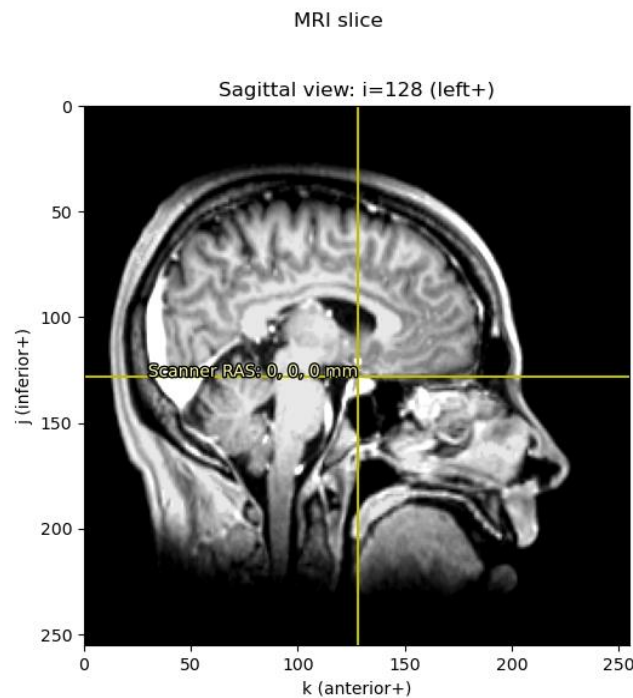


Figure 2. Coupe sagittale de l'IRM anatomique de la patiente JA_P02. Notez l'origine du système de coordonnées RAS (le centre du volume) et l'orientation des axes X, Y et Z.

Contrôle de la position des électrodes.

La position des électrodes est fournie dans le système de coordonnées RAS. Prenons l'exemple du contact H13 de la patiente JA_P02. Grâce à une image anatomique du cerveau avec implantation des électrodes, nous localisons visuellement ce contact au niveau du gyrus d'Heschl

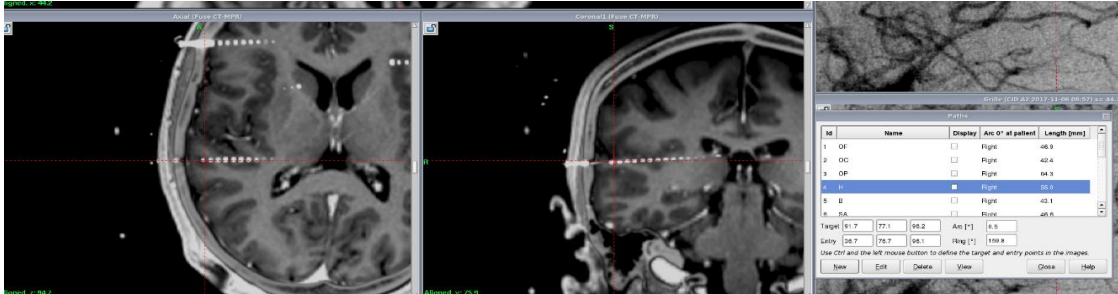


Figure 3. Coupes axiale (image à gauche) et sagittale (image au centre) de l'IRM anatomique de la patiente JA_P02 avec implantation des électrodes. Notez que l'électrode sélectionnée (image à droite), l'électrode H, comprend des contacts situés au niveau du gyrus d'Heschl droit.

Vérifions la position de H13 après reconstruction et parcellisation du cerveau. Dans FreeSurfer, l'image anatomique de la patiente JA_P02 correspond au fichier mri/T1.mgz. Si nous restons dans l'espace IRM du sujet, la position de H13 est bien définie dans le système de coordonnées RAS (voir Figure 4) qui surimpose les coordonnées de H13 (croisement des lignes jaunes) sur l'IRM de la patiente.

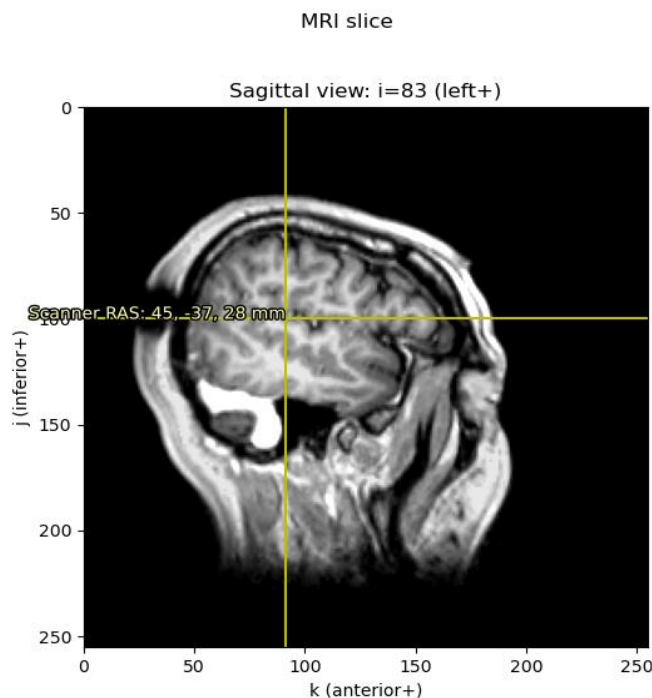


Figure 4. Localisation des coordonnées RAS de H13 dans la surface volumique (IRM T1) native de la patiente JA_P02. Notez que H13 est bien situé au niveau du gyrus d'Heschl droit.

Visualisation du contact H13 dans l'espace natif du sujet (surface corticale)

Dans FreeSurfer, les surfaces corticales de la patiente JA_P02 se situent dans le répertoire "surf" de la patiente. Vérifions la surimposition du contact H13 sur l'une de ces surfaces, par exemple le mesh de la matière blanche, (rh.white). Nous surimposons également une région d'intérêt de Brainnetome supposée inclure le gyrus d'Hesch, et qui devrait correspondre au label A41/42_R de Brainnetome (voir Figure 5).

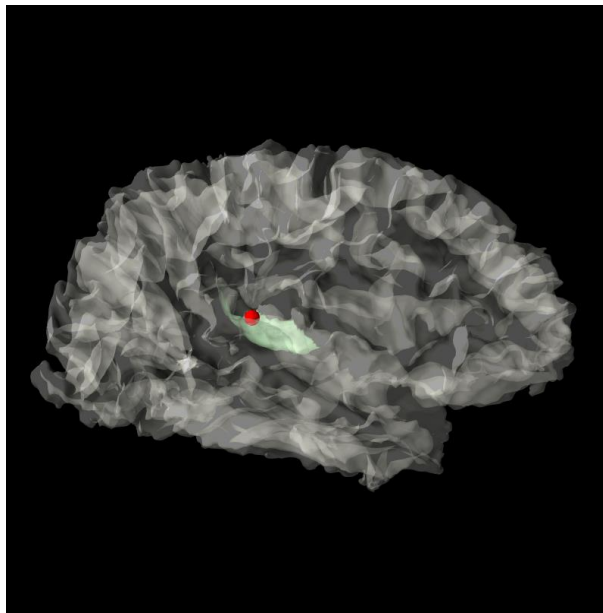


Figure 5. Vue latérale de l'hémisphère droit de la patiente JA_P02. En blanc, représentation surfacique de la matière blanche dans l'espace natif ; En rouge, une petite sphère autour des coordonnées RAS de H13 ; En vert, ROI « nommée A41/42_R » dans l'atlas Brainnetome. Notez que H13 est bien situé au niveau du gyrus d'Heschl droit.

Pour créer la ROI surfacique « A41/42_R » de l'atlas Brainnetome, nous avons utilisé un outil de visualisation des surfaces de FreeSurfer appelé tksurfer.

```
tksurfer -annot BN_Atlas $Subject rh inflated
```

Une fois, l'interface lancée, le label A41/42_R est sélectionné via la boîte de dialogue "label" et sauvegardé dans le repertoire "label" de freesurfer (fichier enregistré avec l'extension ".label").

Script : Jabber-py/Jabber_02_ControlH13.py

Visualisation du contact H13 dans l'espace surface non natif (normalisé)

Dans FreeSurfer, les surfaces corticales normalisées dans l'espace MNI (Montreal Neurological Institute) se situent dans le répertoire "fsaverage/surf". Après une conversion des coordonnées RAS en MNI, la surimposition du contact H13 de la patiente JA_P02 sur la surface corticale de la matière blanche MNI a été vérifiée (voir Figure 6).

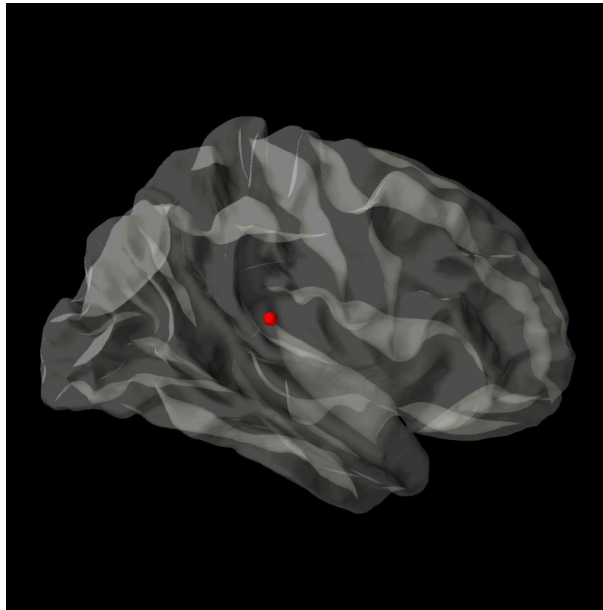


Figure 6. Vue latérale de l'hémisphère droit de la patiente JA_P02. En blanc, représentation surfacique de la matière blanche dans l'espace normalisé MNI ; En rouge, une petite sphère autour des coordonnées MNI du H13. Notez que H13 est bien situé au niveau du gyrus d'Heschl droit.

La normalisation des électrodes dans l'espace MNI servira uniquement à la visualisation de l'ensemble des contacts répertoriés chez tous les patients. Dans les analyses par région d'intérêt qui suivront, nous resterons dans l'espace natif des sujets pour gagner en précision spatiale.

Script : Jabber-py/Jabber_02_ControlH13.py

Visualisation des contacts SEEG dans l'espace natif du sujet

La figure 7 représente des vues latérales (gauche et droite) de la surface corticale de la patiente JA-P02 avec une surimposition de l'intégralité des contacts SEEG.

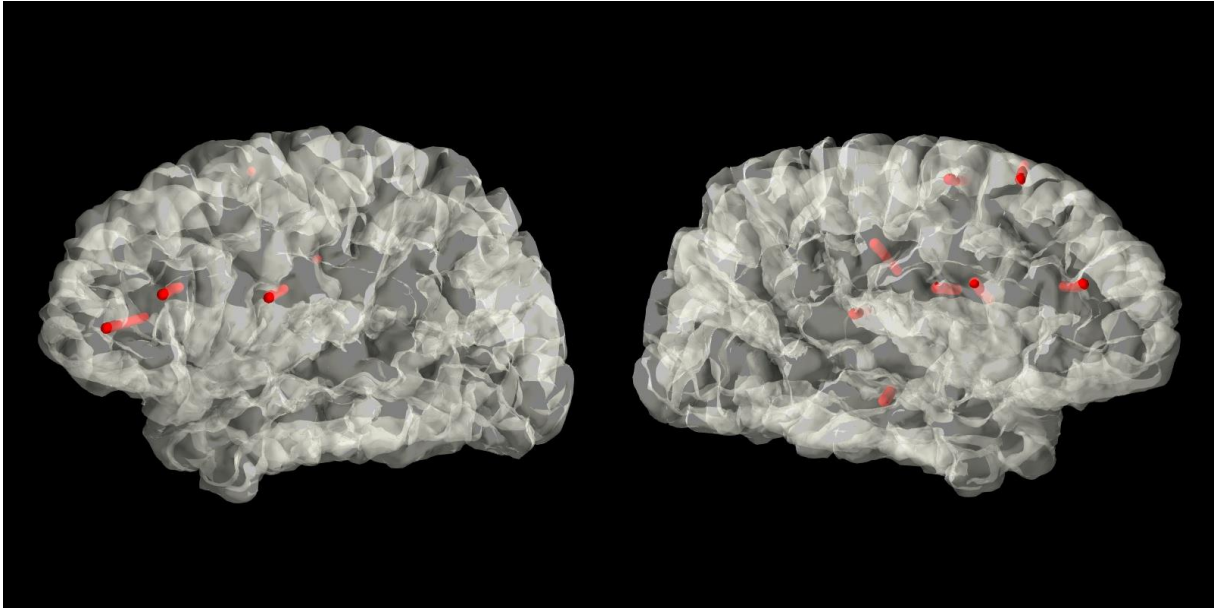


Figure 7. Vues latérales (gauche et droite respectivement de la surface surfacique de la patiente JA_P02 avec localisation des contacts SEEG colorés en rouge

script : Jabber-py:Jabber_03_PlotSEEG.py

Visualisation des contacts de tous les patients dans l'espace MNI

La figure 8 représente des vues latérales (gauche et droite) de la surface corticale MNI de FreeSurfer (fsaverage) avec une surimposition des contacts SEEG de tous les patients (n=10) du projet Jabber.

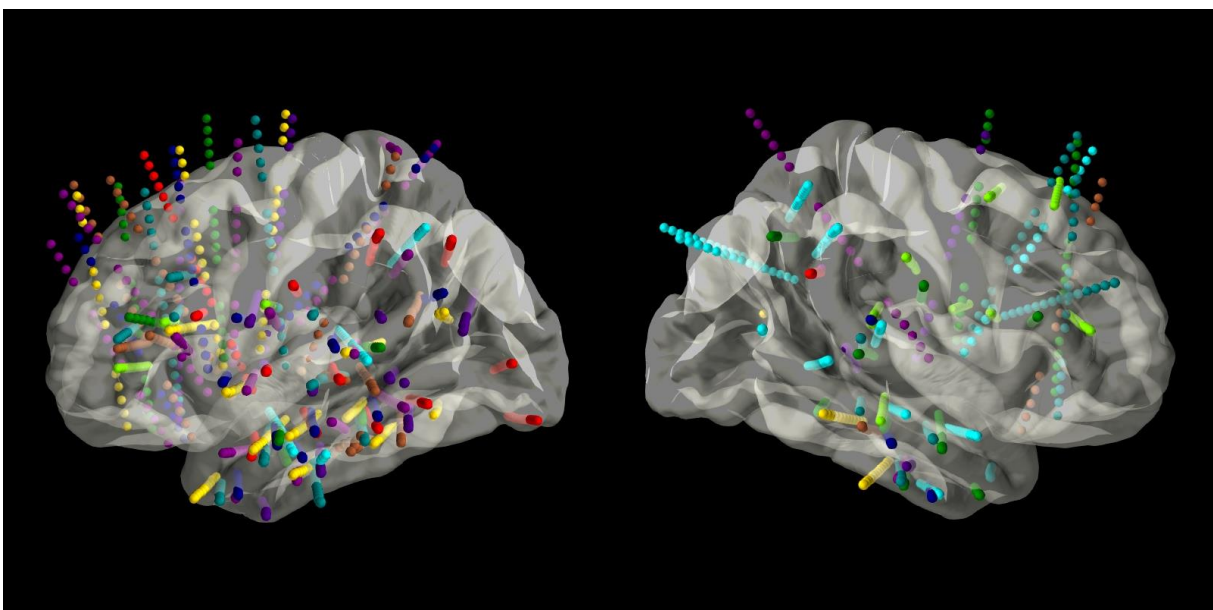


Figure 8. Vues latérales (gauche et droite respectivement) de la surface corticale MNI de FreeSurfer avec une surimposition des contacts SEEG de tous les patients (n=10) du projet Jabber. Chaque couleur correspond à un patient différent.

Script : Jabber-py/Jabber_04_PlotSEEG_all.py

Labelisation d'un contact avec le nom des ROIs de Brainnetome

L'algorithme mis en place consiste en :

1. Une conversion des coordonnées RAS de chaque contact en voxels pour trouver sa position et son nom au sein de l'atlas Brainnetome (volume individuel nommé "BNfinal.nii" dans le répertoire freesurfer MRI)
2. Si aucun nom n'est trouvé, une recherche du contact voisin par la conjonction de la distance euclidienne minimale entre le contact et tous les autres contacts et d'une distance inférieure à 6 mm (radius = 2mm per contact and 1.5mm of spacing)
3. Une sauvegarde des contacts et des noms des ROIs selon l'Atlas Brainnetome dans l'espace natif (RAS) dans une table (fichier f'{subName}_SeegChannelsInBrainnetome.csv')

Script : Jabber-py/Jabber_05_MapContactsAndBN.py

Fichier JA_P02_SeegChannelsInBrainnetome.csv

Fragment du fichier « JA_P02_SeegChannelsInBrainnetome.csv » pour la patiente JA_P02 et l'électrode B

	X_ras	Y_ras	Z_ras	Brainnetome_label	ReplacedByCloserVoxel
B1	19.701857-28.16002	5.695254	cHipp_R		0
B2	23.168627-28.237236		5.734693 cHipp_R		0
B3	26.81273 -28.353323		5.7885485 cHipp_R		0
B4	30.24599 -28.460344		5.8521714 cHipp_R		0
B5	33.541077-28.342308		5.855999 cHipp_R		1
B6	37.08907 -28.486628		5.827415 aSTS_R		1
B7	40.68099 -28.532923		6.003033 aSTS_R		0
B8	44.144775-28.583838		5.9602013 aSTS_R		0
B9	47.660213-28.677523		6.0213857 aSTS_R		0